

百合科开口箭属六个种的核型研究*

黄锦岭** 李 恒 顾志建 刘宪章

(中国科学院昆明植物研究所, 昆明)

摘要 本文报道了开口箭属 (*Tupistra*) 6 个种的核型, 发现 6 个种皆为二倍体, 染色体数目为 38。他们的核型公式是: 弯蕊开口箭 (*T. wattii*) 为 $2n = 2x = 38 = 38m$; 长梗开口箭 (*T. longipedunculata*) 为 $2n = 2x = 38 = 28m + 10sm$; 橙花开口箭 (*T. aurantiaca*) 为 $2n = 2x = 38 = 22m + 16sm$; 开口箭 (*T. chinensis*) 和云南开口箭 (*T. yunnanensis*) 皆为 $2n = 2x = 38 = 24m + 14sm$, 核型皆为 2B 型, 但 sm 染色体的位置有所不同; 伞柱开口箭 (*T. fungilliformis*) 为 $2n = 2x = 38 = 18m + 2sm + 12st + 6t$ 。前述 5 个种的核型由一型染色体组成, 而伞柱开口箭的核型由二型染色体组成。开口箭属和蜘蛛抱蛋属 (*Aspidistra*) 是亲缘关系接近的两个属, 伞柱开口箭是开口箭属和蜘蛛抱蛋属之间的一个过渡类群。

关键词 开口箭属; 蜘蛛抱蛋属; 核型; 染色体

开口箭属 (*Tupistra*) 分布于亚洲, 从尼泊尔、不丹、锡金、缅甸、越南至我国, 约有 20 种, 我国约有 12 种, 主产长江以南各省区^[1]。开口箭属的核型研究除了 H. J. Chang 和 C. C. Hsu 在 1974 年对台湾的 *Campylandra watanabei* (= *T. chinensis*)^[1,2] 作过报道外, 至今很少有人作进一步研究。本文报道该属 6 个种的染色体观察和核型研究。

材 料 和 方 法

所有研究材料来源于云南各地, 现盆栽于中国科学院昆明植物研究所百草园。种名先后由李恒鉴定。凭证标本存放于中国科学院昆明植物研究所标本馆。取幼嫩根尖在 0.1% 的秋水仙素中处理 4—5 个小时, 再用酒精与冰醋酸 (3:1) 的固定液固定 12—24 小时, 然后将固定材料在 1N 盐酸中水解, 石碳酸品红中染色, 常规方法压片。染色体计数用 80—100 个细胞。核型分析按李懋学和陈瑞阳^[3]的标准, 用 5 个细胞进行统计分析。核型不对称性的分类按 Stebbins 的方法, 染色体相对长度用 Kuo (1972)^[4]的方法, 核型不对称系数用 Arano^[5]的方法计算。

结 果

1. 开口箭 *T. chinensis* Baker 主要分布于我国云南、四川、广东、广西、台湾、福建、江西、湖南、湖北、安徽、浙江、陕西（秦岭以南）、河南等地。染色体数目（凭



图1 染色体数目和核型

Fig. 1 The Chromosome number and karyotype

1. 开口箭 *T. chinensis*; 2. 弯蕊开口箭 *T. wattii*; 3. 伞柱开口箭 *T. fungilliformis*; 4. 长梗开口箭 *T. longipedunculata*; 5. 云南开口箭 *T. yunnanensis*; 6. 橙花开口箭 *T. aurantiaca*

证标本号：红河队161)为38，与Chang and Hsu(1974)^[2]、杨涤清和朱燮稔*报道的数目一致。核型公式为 $2n = 2x = 38 = 24m + 14sm$ (图 1 : 1, 图 2 : 1, 表 1 : 1)，由24条中部着丝点染色体和14条近中部着丝点染色体组成。第2对染色体不等形，构成杂合性，核型为2B型。

2.弯蕊开口箭*T. wattii* (C. B. Clarke) Hook. f. 主要分布于不丹和我国云南东南部、四川（峨眉、叙永、酉阳）、贵州、广西和广东等地。染色体数目（凭证标本号：红河队162)为38，与杨涤清和朱燮稔报道的数目一致，核型公式为 $2n = 2x = 38 = 38m$ (图 1 : 2, 图 2 : 2, 表 1 : 2)，全部由中部着丝点染色体组成，核型为1B型。

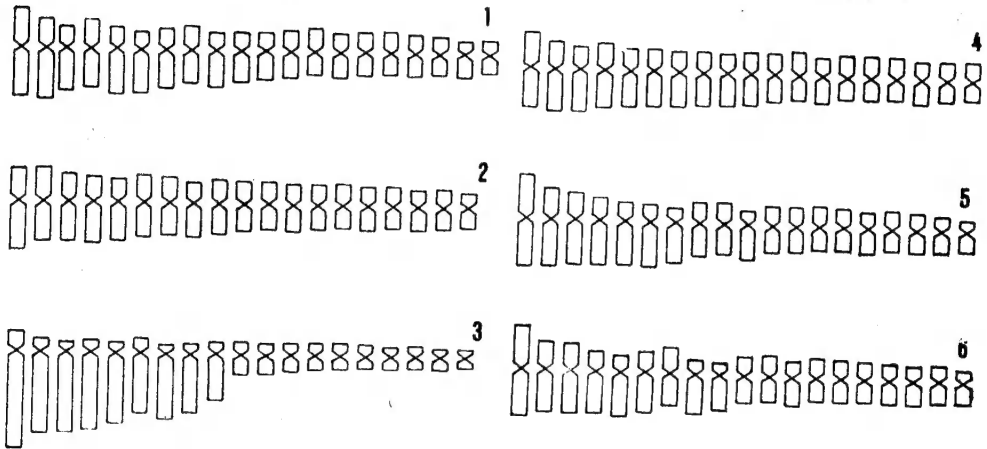


图 2 染色体核型模式图

Fig. 2 The modle figures of karyotype

1.开口箭*T. Chinensis*; 2.弯蕊开口箭*T. wattii*; 3.伞柱开口箭*T. fungilliformis*; 4.长梗开口箭*T. longipedunculata*; 5.云南开口箭*T. yunnanensis*; 6.橙花开口箭*T. aurantiaca*

3.伞柱开口箭*T. fungilliformis* Wang et Liang 主要分布于我国云南南部和东南部西双版纳、绿春、金平、屏边、麻栗坡、马关、蒙自、文山、西畴、富宁等地。染色体数目（凭证标本号：红河队166)为38，核型公式为 $2n = 2x = 38 = 18m + 2sm + 12st + 6t$ (图 1 : 3, 图 2 : 3, 表 1 : 3)，由18条中部着丝点染色体、2条近中部着丝点染色体、12条近端部着丝点染色体和6条端部着丝点染色体组成。核型为2C型。

4.长梗开口箭*T. longipedunculata* Wang et Liang主要分布于我国云南南部勐腊、勐海、沧源、耿马和西部高黎贡山等地。染色体数目（凭证标本号：红河队 163)为38，核型公式为 $2n = 2x = 38 = 28m + 10sm$ (图 1 : 4, 图 2 : 4, 表 1 : 3)，由28条中部着丝点染色体和10条近中部着丝点染色体组成。核型为1A型。

5.云南开口箭*T. yunnanensis* Wang et Liang 主要分布于我国云南东南部砚山和东北部禄劝、巧家、鲁甸等地。染色体数目（凭证标本号：红河队165)为38，核型公

*徐炳声、黄少甫，考察与研究 1985； 5：62

表1 开口箭、弯蕊开口箭、伞柱开口箭的染色体参数
Table 1 The parameters of chromosomes of *T. chinensis*, *T. wattii*, *T. fungilliformis*

Chromosome	<i>T. chinensis</i> 2n = 2x = 38 = 24m + 14sm				<i>T. wattii</i> 2n = 2x = 38 = 38m				<i>T. fungilliformis</i> 2n = 2x = 38 = 18m + 2sm + 12st + 6t				
	No	RL*	IRL*	AR*	PC*	RL	IRL	AR	PC	RL	IRL	AR	PC
	1	4.44	1.66	1.25	m	4.02	1.53	1.53	m	5.91	2.25	4.85	st
	2	3.99	1.49	1.75	sm	3.64	1.38	1.18	m	4.74	1.80	6.41	st
		3.23	1.20	1.97	sm								
	3	3.39	1.26	1.34	m	3.30	1.25	1.46	m	4.48	1.70	8.53	t
	4	3.33	1.24	2.11	sm	3.25	1.23	1.64	m	4.45	1.69	6.81	t
	5	3.09	1.15	2.55	sm	3.02	1.15	1.70	m	4.05	1.54	7.27	st
	6	2.94	1.10	1.85	sm	3.02	1.15	1.29	m	3.74	1.42	4.27	t
	7	2.84	1.06	1.37	m	2.88	1.09	1.27	m	3.73	1.42	8.33	st
	8	2.74	1.02	2.11	sm	2.71	1.03	1.63	m	3.44	1.31	6.32	t
	9	2.51	0.94	1.73	sm	2.67	1.01	1.28	m	2.83	1.08	4.24	st
	10	2.38	0.89	1.53	m	2.46	0.93	1.18	m	1.59	0.60	1.56	st
	11	2.37	0.88	1.28	m	2.37	0.90	1.10	m	1.52	0.58	1.76	m
	12	2.36	0.88	1.02	m	2.28	0.87	1.34	m	1.38	0.52	1.34	sm
	13	2.21	0.82	1.38	m	2.28	0.87	1.17	m	1.33	0.51	1.11	m
	14	2.20	0.82	1.18	m	2.21	0.84	1.07	m	1.31	0.50	1.05	m
	15	2.15	0.80	1.05	m	2.20	0.84	1.29	m	1.18	0.45	1.02	m
	16	2.10	0.78	1.21	m	2.08	0.79	1.06	m	1.17	0.44	1.39	m
	17	1.89	0.70	1.30	m	2.01	0.76	1.36	m	1.13	0.43	1.02	m
	18	1.83	0.68	1.73	sm	1.93	0.73	1.19	m	1.07	0.41	1.61	m
	19	1.65	0.62	1.29	m	1.70	0.65	1.33	m	0.96	0.36	1.18	m

* RL = relative length. IRL = index of relative length. AR = arm ratio.
PC = position of centromere.

表 2 长梗开口箭、云南开口箭、橙花开口箭的染色体参数

Table 2 The parameters of chromosomes of *T. longipedunculata*, *T. yunnanensis*, *T. aurantiaca*

Chromosome	<i>T. longipedunculata</i>					<i>T. yunnanensis</i>					<i>T. aurantiaca</i>				
	No	RL	IRL	AR	PC	RL	IRL	AR	PC	RL	IRL	AR	PC	RL	IRL
				$2n = 2x = 38 = 28m + 10sm$				$2n = 2x = 38 = 24m + 14sm$				$2n = 2x = 38 = 22m + 16sm$			
1	3.76	1.43	1.10	m	m	4.60	1.75	1.11	m	4.49	1.70	1.07	m	4.49	1.70
2	2.49	1.32	1.60	m	m	3.89	1.48	1.56	m	3.64	1.38	1.55	m	3.64	1.38
3	3.26	1.24	1.91	sm	sm	3.57	1.36	1.72	sm	3.55	1.35	1.71	sm	3.55	1.35
4	3.22	1.22	1.46	m	m	3.35	1.27	1.99	sm	3.18	1.21	2.21	sm	3.18	1.21
5	2.97	1.13	1.71	sm	sm	3.10	1.18	2.41	sm	3.09	1.17	2.77	sm	3.09	1.17
6	2.93	1.11	1.64	m	m	3.08	1.17	1.91	sm	3.05	1.16	1.90	sm	3.05	1.16
7	2.81	1.07	1.84	sm	sm	2.66	1.01	2.91	sm	2.92	1.11	1.21	m	2.92	1.11
8	2.68	1.02	1.73	sm	sm	2.65	1.01	1.62	m	2.70	1.02	2.86	sm	2.70	1.02
9	2.67	1.01	1.78	sm	sm	2.50	0.95	1.55	m	2.40	0.91	2.93	sm	2.40	0.91
10	2.60	0.99	1.48	m	m	2.43	0.93	2.68	sm	2.38	0.90	1.38	m	2.38	0.90
11	2.42	0.92	1.24	m	m	2.31	0.88	1.43	m	2.35	0.89	1.22	m	2.35	0.89
12	2.41	0.91	1.10	m	m	2.23	0.85	1.37	m	2.23	0.85	1.75	sm	2.23	0.85
13	2.27	0.86	1.52	m	m	2.19	0.83	1.21	m	2.19	0.83	1.17	m	2.19	0.83
14	2.26	0.86	1.05	m	m	2.12	0.81	1.23	m	2.18	0.83	1.29	m	2.18	0.83
15	2.21	0.84	1.07	m	m	2.04	0.78	1.62	m	2.09	0.79	1.25	m	2.09	0.79
16	2.13	0.81	1.07	m	m	1.99	0.76	1.21	m	2.03	0.77	1.39	m	2.03	0.77
17	2.11	0.80	1.43	m	m	1.94	0.74	1.49	m	1.98	0.75	1.68	m	1.98	0.75
18	2.00	0.76	1.20	m	m	1.81	0.69	1.48	m	1.93	0.73	1.35	m	1.93	0.73
19	1.92	0.73	1.06	m	m	1.51	0.57	1.80	sm	1.69	0.64	1.73	sm	1.69	0.64

式为 $2n = 2x = 38 = 24m + 14sm$ (图1:5, 图2:5, 表2:2), 由24条中部着丝点染色体和14条近中部着丝点染色体组成。核型为2B型。

6. 橙花开口箭 *T. aurantiaca* Wall. ex Baker 主要分布于尼泊尔、印度东喜马拉雅地区和我国云南西部景东、西北部泸水、维西、丽江、东北部巧家, 西藏聂拉木等地。染色体数目 (凭证标本号: 红河队164) 为38, 核型公式为 $2n = 2x = 38 = 22m + 16sm$ (图1:6, 图2:6, 表2:3), 由22条中部着丝点染色体和16条近中部着丝点染色体组成。核型为2B型。

讨 论

1. 染色体的倍性和基数

本次报道开口箭属6个种皆为二倍体, 染色体数目皆为38, 基数为 $x = 19$, 和以前有关本属染色体数目的报道相同。

2. 关于开口箭和云南开口箭的关系

开口箭和云南开口箭的核型皆为 $2n = 2x = 38 = 24m + 14sm$, 核型皆为2B型, 但 sm 染色体的位置稍有不同, 开口箭 sm 染色体分别为第2、4、5、6、8、9、18对, 且第二对染色体表现为杂合性, 云南开口箭 sm 染色体分别为第3、4、5、6、7、10、19对。从不对称系数上看, 开口箭为60.47%, 稍小于云南开口箭(61.97%)。这说明二者可能是亲缘关系接近的两个种。

3. 关于开口箭属和蜘蛛抱蛋属 (*Aspidistra*) 的关系

由图1、图2和表1、2可以看出, 开口箭、弯蕊开口箭、长梗开口箭、云南开口箭和橙花开口箭5个种的核型是由 m 染色体和 sm 染色体组成的, 且染色体长短是递减排列的, 染色体均属一型。伞柱开口箭的核型结构与前5种明显不同, 由18条 m 染色体, 2条 sm 染色体、12条 st 染色体和6条 t 染色体构成, 核型为2C型。按染色体相对长度系数组成, 伞柱开口箭可表示为 $2n = 2x = 38 = 16L + 2M_2 + 2oS$, 具16条长染色体(16L), 2条中长染色体(2 M_2)和20条短染色体(2OS), 长染色体中最短的一对(第8对)与中长染色体的相对长度比、中长染色体与短染色体中最长的一对(第10对)的相对长度比分别为1.22和1.78, 显然中长染色比较接近长染色体。因此伞柱开口箭的染色体是二型的。长染色体和中长染色体由 st 染色体和 t 染色体组成, 短染色体绝大多数为 m 染色体, 只有一对 sm 染色体。蜘蛛抱蛋属^[6]的染色体数目多为 $2n = 38$, 染色体也为二型, 长染色体绝大多数为 st 染色体, 短染色体绝大多数为 m 染色体。伞柱开口箭和蜘蛛抱蛋属大多数种染色体数目相同, 均具二型染色体核型, 核型结构也比较接近, 长短染色体的类型也基本一致, 在亲缘关系上是相当接近的, 即按照染色体形态结构, 可以把伞柱开口箭看作是蜘蛛抱蛋属的一个类群。然而蜘蛛抱蛋属的花是在地下走茎上单生, 花开地面, 伞柱开口箭的花组成穗状花序生于地上茎的叶腋, 与蜘蛛抱蛋属的基本特征截然不同, 而与开口箭属的花序结构一致, 它只能属开口箭属的范畴, 鉴于伞柱开口箭核型和花式的二重性, 我们只能认为: a. 具一型染色体的开口箭属比具二型染色体的蜘蛛抱蛋属较为原始; b. 开口箭属中唯一具有二型染色体的伞柱开口箭是开

口箭属向蜘蛛抱蛋属演化的一个过渡性代表。

参 考 文 献

- 1 汪发绂, 唐进. 中国植物志 15卷. 北京: 科学出版社, 1978: 6—24
- 2 Chang H J, Hsu C C. *TAIWANIA* 1974; 19: 68—70
- 3 李懋学, 陈瑞阳. 武汉植物研究 1986; 3: 297—302
- 4 Kou S R, Wang T T, Huang T C. *TAIWANIA* 1972; 17: 68
- 5 Arano H. *Bot Mag Tokyo* 1963; 76: 32—39
- 6 洪德元, 郎楷永, 张志宪. 植物分类学报 1986; 24: 253—361

KARYOTYPE STUDIES IN SIX TAXA OF TUPISTRA (LILIACEAE)

Huang Jinling, Li Heng, Gu Zhijian, Liu Xianzhang

(Kunming Institute of Botany, Academia Sinica, Kunming)

Abstract The present paper reports the numbers of chromosome and karyotypes in 6 species of genus *Tupistra*. It is found that all species reported are diploid and the numbers of chromosome are 38. The formula of karyotype in *T. wattii* is $2n = 2x = 38 = 38m$, and *T. longipedunculata* $2n = 2x = 38 = 28m + 10sm$, *T. aurantiaca* $2n = 2x = 38 = 22m + 16sm$, *T. fungilliformis* $2n = 2x = 38 = 18m + 2sm + 12st + 6t$, both *T. chinensis* and *T. yunnanensis* are $2n = 2x = 38 = 24m + 14sm$ with karyotypes 2B, but they are different each other in the positions of sm chromosomes. The karyotypes of *T. wattii*, *T. longipedunculata*, *T. aurantiaca*, *T. chinensis* and *T. yunnanensis* are monomodal while *T. fungilliformis* is bimodal. *Tupistra* and *Aspidistra* are two related genera. *Tupistra* is more primitive and *Aspidistra* is more advanced. It seems that *T. fungilliformis* is a transitive taxon between *Tupistra* and *Aspidistra*.

Key words *Tupistra*, *Aspidistra*, Karyotype, Chromosome